

Open Access, August 2020  
 p-ISSN : 2087-9423  
 e-ISSN : 2620-309X

*J. Ilmu dan Teknologi Kelautan Tropis*, 12(2): 409-421  
<http://journal.ipb.ac.id/index.php/jurnalikt>  
 DOI: <http://doi.org/10.29244/jitkt.v12i2.24274>

## STRUKTUR GENETIK POPULASI IKAN CAKALANG, *Katsuwonus pelamis* (Linnaeus, 1758) DI PERAIRAN LAUT MALUKU UTARA, INDONESIA

### GENETIC STRUCTURE POPULATIONS SKIPJACK, *Katsuwonus pelamis* (Linnaeus, 1758) IN NORTH MALUKU SEA, INDONESIA

Nebuchadnezzar Akbar<sup>1\*</sup> & Rusmawati Labenua<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Ilmu Kelautan, FPIK, Universitas Khairun, Ternate, 97719, Indonesia

<sup>2</sup>Manajemen Sumberdaya Perairan, FPIK, Universitas Khairun, Ternate, 97719, Indonesia

\*E-mail: nezzarnebuchad@yahoo.co.id

#### ABSTRACT

*Genetic is key substantial approach conservation, managment and sustainability. This study aims to genetic structure populations Skipjack tuna in North Maluku Sea. Samples collection in Morotai Island (n=10), Central Halmahera District, Weda (n=10) dan South Halmahera District, Bacan, (n=10) and secondary data (n=4) in March-May 2018. Molecular analysis through stages extraction, PCR, electrophoresis and sequencing DNA. DNA sequences analysis used MEGA 5 (Genetic distance and phylogenetic) and arlequin (Fixation index). The result found that fragment length 546 (base pairs) in control mitochondrial DNA. Genetic distance analysis Skipjack tuna population based on primary (North Maluku) and secondary data (Sulu-Celebes and South China Sea, Bali, Indian coast, Kyushu Island Japan) show close genetic 0.037-0.056. Fixation indices (Fst) analysis value 0.801-0.936 the show that weak genetic differentiation between populations. High genetic flow between populations based on genetic distance and Fst. The result show that genetic distance and Fst show that genetic structure populations Skipjack tuna in North Maluku Sea undistrubed. The Skipjack tuna data obtained can uses data base to preserve and sustainability fish resource.*

**Keywords:** conservation, genetic, North Maluku, skipjack

#### ABSTRAK

Genetik merupakan suatu pendekatan untuk pemanfaatan, pengelolaan dan keberlanjutan yang bersifat konservasi. Tujuan penelitian adalah struktur populasi genetik ikan cakalang di perairan laut Maluku Utara. Koleksi sampel dilakukan pada Pulau Morotai (n=10), Weda, Kabupaten Halmahera Tengah (n=10), Bacan, Kabupaten Halmahera Selatan (n=10) dan data sekunder (n=4), pada Maret hingga Mei 2018. Analisis molekuler melalui tahapan ekstraksi, PCR, elektroforesis dan pengurutan DNA (sekuensing DNA). Sekuen DNA kemudian dianalisis menggunakan MEGA 5 (jarak genetik dan filogenetik) serta Arlequin 3.5 (fiksasi indeks). Hasil penelitian menemukan panjang fragmen DNA 546 (*base pairse*) di daerah lokus *control region* DNA Mitokondria (mtDNA). Analisis jarak genetik populasi berdasarkan data primer (Maluku Utara) dan sekunder (Sulu-Celebes dan *South China Sea*, Bali, *Indian coast*, *Kyushu Island Japan*) dengan nilai 0,037-0,056. Analisis fiksasi indeks (*Fst*) diperoleh nilai 0,801-0,936 yang menunjukkan bahwa tidak terdapat diferensiasi genetik antar populasi. Aliran genetik yang besar antar populasi berdasarkan hasil analisis jarak genetik dan *Fst*. Hasil analisis menunjukkan bahwa struktur genetik populasi ikan cakalang di perairan Maluku belum terganggu. Data genetik ikan cakalang yang diperoleh dapat dijadikan sebagai basis data untuk melestarikan dan menjaga keberlanjutan sumberdaya ikan.

**Kata kunci:** Cakalang, genetik, konservasi, Maluku Utara

#### I. PENDAHULUAN

Perairan Maluku Utara adalah daerah potensial penangkapan ikan pelagis. Daerah

ini dipengaruhi oleh arus lintas Indonesia yang membawa massa air subur dari samudera Pasifik masuk ke perairan Indonesia dan mengalir hingga samudera

Hindia. Kementerian Kelautan dan Perikanan pada tahun 2015 menyebutkan bahwa salah satu sumberdaya perikanan yang dieksploitasi di perairan ini adalah ikan cakalang (*K. pelamis*). Ikan cakalang memiliki total produksi 57.126,3 ton di perairan Maluku Utara. Kementerian Kelautan dan Perikanan pada tahun 2015 menyebutkan bahwa potensi sumberdaya cakalang di Maluku Utara baru di manfaatkan sekitar 48,54%. Ikan Cakalang merupakan target dalam dalam operasi penangkapan di daerah Indonesia. Setiap tahunnya produksi ikan cakalang di Indonesia meningkat, sehubungan dengan kebutuhan permintaan pasar. Kegiatan seperti ini dapat memberikan dampak terhadap kualitas dan kuantitas sumberdaya ikan cakalang. Sektor perikanan merupakan sumberdaya dapat pulih (*renewable resources*), akan tetapi laju pemanfaatan tidak seimbang terhadap tingkat kecepatan pertumbuhan pemulihan. Maluku Utara masuk dalam WPP-RI 714-716, sehingga perlu suatu pendekatan untuk meminimalisir terjadinya degradasi populasi ikan cakalang. Beberapa daerah potensial ikan cakalang seperti Pulau Bacan, Obi, Morotai dan Ternate telah memberikan indikasi dan dugaan adanya penurunan hasil tangkap dan ukuran ikan tertangkap.

Pendekatan pengelolaan, pelestarian dan pemanfaatan secara berkelanjutan dapat dimulai melalui kajian substansial seperti genetik. Informasi struktur genetik dapat digunakan untuk melihat kestabilan dan status kesehatan populasi. Penelitian tentang genetika populasi itu sendiri, terutama menyangkut keragaman genetika ikan di Indonesia, telah dilakukan diantaranya studi genetika populasi ikan kakap merah (*Lutjanus malabaricus*) yang berasal dari beberapa daerah penangkapan Pantai Utara Jawa dan Laut Jawa bagian timur (Soewardi & Suwarso, 2006), tuna sirip kuning (*Thunnus albacores*) dari daerah Bali, Maluku Utara dan Sulawesi Utara (Permana *et al.*, 2007), kajian struktur populasi tuna

mata besar di Samudera Hindia bagian Sumatera Barat, Selatan Jawa dan Nusa Tenggara yang dilakukan oleh Suman *et al.* (2013), studi variasi genetik pada tuna sirip kuning yang di kaji berdasarkan dua populasi di laut Maluku, Indonesia (Akbar *et al.*, 2014).

Penelitian struktur populasi ikan cakalang berdasarkan tingkat populasi telah dilakukan oleh Toatubun *et al.* (2015) di perairan Manado. Sedangkan penelitian tentang genetik ikan cakalang baru dilakukan oleh Fakhri *et al.* (2015) dari Kabupaten Jembrana dan Karangasem, Bali". Penelitian Akbar *et al.* (2018) tentang keragaman genetik ikan cakalang di perairan Maluku Utara, namun informasi tentang ikan cakalang khususnya struktur genetik populasi belum tersedia. Kajian tentang struktur genetik penting, karena dapat memberikan informasi pertukaran genetik pada populasi berbeda, dengan demikian status populasi dapat ditentukan. Selain itu pengetahuan tentang struktur genetik populasi sangatlah baik untuk keberlanjutan dan efektifitas manajemen sumberdaya (Chiang *et al.*, 2006; Chiang *et al.*, 2008). Hal ini mendasari dilakukannya penelitian mengenai struktur genetik populasi ikan cakalang (*K. pelamis*). Penelitian bertujuan mengetahui struktur genetik populasi ikan cakalang (*K. pelamis*).

## II. METODE PENELITIAN

### 2.1. Waktu, Lokasi Penelitian dan Koleksi Sampel

Tahapan penelitian meliputi pengambilan sampel, pengambilan sampel, pengerjaan laboratorium dan analisis data. Pengambilan sampel pada Maret-Mei 2018 (*Figure 1*). Koleksi material DNA pada 30 sampel ikan (*pectoral fins*) di lokasi Pulau Morotai (n=10), Weda, Kabupaten Halmahera Tengah (n=10), Bacan dan Kabupaten Halmahera Selatan (n=10). Sampel yang diperoleh kemudian difoto dan diambil bagian sirip dada sepanjang 3 cm, setelah itu disimpan dalam tabung yang telah

terisi etanol 90% (Akbar *et al.*, 2018). Data sekunder diperoleh melalui GenBank dengan *accession number* untuk keperluan komparasi (Table 1).

## 2.2. Ekstraksi, *Polymerase Chain Reaction* (PCR), Elektroforesis dan Sekuensing DNA

Sampel genetik diekstraksi dengan cairan *Chelex* 10% (Walsh *et al.*, 1991). Sirip pectoral kemudian di ekstraksi untuk memperoleh sampel DNA (Akbar *et al.*, 2018). Tahapan ekstraksi dimulai dengan memasukan sampel ke dalam *tube*, setelah itu proses *vortex* dan *sentrifuge* selama + 20 detik, setelah itu dilanjutkan pada tahapan *heating blok* (pemanasan) dengan suhu 95°C selama + 45 menit. Proses berikutnya adalah *tube* divortex dan disentrifuge  $\pm$  20 detik (Akbar *et al.*, 2014). Amplifikasi DNA pada lokus *control region* menggunakan metode DNA *sequencing* dengan primer CRK-CRE

(Lee *et al.*, 1995). Proses PCR dimulai pada fase denaturasi awal 94 °C  $\pm$  15 detik, denaturasi 94 °C selama 30 detik, *annealing* pada 50 °C  $\pm$  30 detik dan *extension* pada 72 °C  $\pm$  45 detik dan selama 72 °C untuk 5 menit berikutnya dan pengulangan terjadi pada proses ini sebanyak 38 siklus.

Hasil amplifikasi DNA kemudian dilakukan elektroforesis untuk memperoleh kualitas produk DNA (Akbar *et al.*, 2018). Elektroforesis dilakukan menggunakan *gel agarose* 1% melalui proses pencampuran 1 g agarosa pada *erlenmeyer* dan ditambahkan 100 mL TAE 1X, kemudian campuran diletakan pada *microwave* untuk dipanaskan. Larutan yang telah merata kemudian ditambahkan 4 uL EtBr. *Gel agarose* yang telah jadi selanjutnya dituangkan pada cetakan yang sebelumnya telah diletakan alat pembuat sumur kemudian didiamkan selama 30 menit.

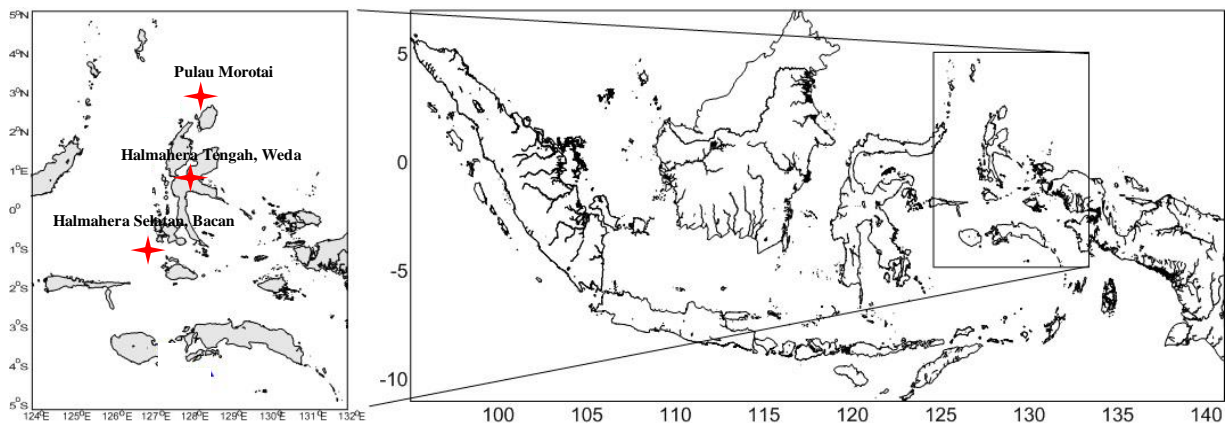


Figure 1. Research locations (Source: Akbar dan Labenua, 2018).

Table 1. Yellowfin tuna secondary data and accession number (GenBank).

No.	Authors	Years	Accession number
1	A Rahim, M., Basir, S., Musel, J., Mohd Saleh, M.F. and Abdullah, A.W.	2016	KY353356.1
2	Yamashita, H., Yanagimoto, T., Kimura, T. and Kurosaka, K.	2014	AB907398.1
3	Fakhri, F., Mahardika, G.N.K., Narayani, I., Dewi, N.M.R.K., Cahyani, N.K.D., Prayoga, I.M.A. and Yusmalinda, N.L.A.	2014	KM094131.1
4	Menezes, M.R., Kumar G, Kunal SP	2012	JF752061.1

Elektroforesis DNA melalui proses visualisasi menggunakan mesin ultraviolet (voltase 200 V dan arus 400 mA)  $\pm$  15 menit. Fragmentasi DNA yang telah berhasil selanjutnya disekuensing (Sanger *et al.*, 1977).

### 2.3. Analisis Data Genetik

Analisis sekuen DNA menggunakan MEGA5 (*Molecular Evolutionary Genetic Analysis*) untuk rekonstruksi pohon filogenetik, analisis jarak genetik, distribusi dan probabilitas substitusi nukleotida (Tamura *et al.*, 2011), dan Arlequin 3.5 (Excoffier & Lischer, 2010) untuk melihat besarnya aliran genetik antar populasi (fiksasi indeks (*F<sub>st</sub>*)).

## III. HASIL DAN PEMBAHASAN

### 3.1. Karakteristik Molekuler

Karakteristik molekuler diperoleh pada 30 (data primer), 4 (data sekunder) dan 1 (sampel *out group*) sampel ikan cakalang memperoleh 546 panjang basa (bp) di daerah lokus *control region* DNA Mitokondria (mtDNA) (*Table 2*). Panjang fragmen yang mirip juga ditemukan Chow & Kishino, (1995), Dammanggoda *et al.* (2011), Menezes *et al.* (2012), Jackson *et al.* (2014), Johnson *et al.* (2015) dan Fakhri *et al.* (2015).

Panjang fragmen yang ditemukan jika dibandingkan, maka lebih panjang dengan

penelitian lainnya (*Table 2*). Panjang basa (bp) yang berbeda dimungkinkan jumlah sampel berbeda, produk kualitas DNA, primer yang belum spesifik, panjang ukuran dan komposisi basa primer, pengaruh lingkungan, kualitas makanan serta faktor hereditas, namun tidak menunjukkan pengaruh dari hasil sekuen (Williams *et al.*, 1990; Shizuka & Lyon, 2008; Akbar *et al.*, 2014; Jefri *et al.*, 2015; Akbar *et al.*, 2018). Mutasi genetik juga dapat mempengaruhi perbedaan panjang basa DNA pada spesies. Hal ini biasanya disebut mutasi titik dikarenakan banyaknya nukleotida yang bermutasi pada nukleotida tunggal (Xiao *et al.*, 2007). Substitusi nukleotida ditemukan pada setiap individu berdasarkan hasil pengamatan (Akbar *et al.*, 2018).

### 3.2. Struktur Populasi Genetik

Informasi populasi genetik diperoleh melalui informasi jarak genetik dan *Amova population pairwise* (*F<sub>st</sub>*). Jarak genetik dalam populasi ikan cakalang Morotai yakni 0,009, Bacan dengan nilai 0,023 dan Halmahera Tengah yaitu 0,007, sedangkan secara keseluruhan analisis jarak genetik dalam populasi ikan cakalang di perairan Maluku Utara adalah 0,014 (*Table 3*). Kedekatan genetik pada ikan sejenis juga dilaporkan Graves *et al.* (1984) di Atlantik dan Pasifik, Ely *et al.* (2005) di Atlantik dan Pasifik, Dammannagoda *et al.* (2011) Samudera India.

*Table 2. Samples, total samples, base pairs (bp), location and research sources.*

<i>Sample</i>	<i>Total samples</i>	<i>Base pairs (bp)</i>	<i>Locations</i>	<i>Research Sources</i>
	30	546	North Maluku Sea	Research result, 2018
	4	400	East Hindia Ocean	Chow & Kishino, 1995
	115	394	Atlantic and Pasific	Ely <i>et al.</i> , 2005
	324	488	North west Indian Ocean	Dammanggoda <i>et al.</i> , 2011
Skipjack	315	508	India Sea	Menezes <i>et al.</i> , 2012
	177	400	Indonesia islands	Jackson <i>et al.</i> , 2014
	35	500	Tanzania Coastal	Johnson <i>et al.</i> , 2015
	60	532	Bali	Fakhri <i>et al.</i> , 2015
	1	517	North Maluku Sea	Akbar <i>et al.</i> , 2018

Analisis jarak genetik antar populasi ikan cakalang berdasarkan data primer dan sekunder menunjukkan kedekatan genetik antar populasi (Table 3). Kedekatan genetik memberikan dugaan populasi ikan cakalang merupakan satu keturunan.

Analisis jarak genetik antar populasi ikan cakalang data sekunder dan data primer (Tabel 3) ditemukan bahwa jarak genetik Morotai dengan Sulu-Celebes dan *South China Sea* yaitu 0,037, Morotai dengan Bali yakni 0,052, Morotai dengan *Indian Coast* yakni 0,005 dan Morotai dengan *Kyushu Island Japan* sebesar 0,056. Hasil analisis lainnya ditemukan jarak genetik antar populasi Bacan dengan Sulu-Celebes dan *South China Sea* yakni 0,038, Bacan dengan Bali dengan nilai 0,052, Bacan dengan *Indian Coast* yaitu 0,014 dan Bacan dengan *Kyushu Island Japan* sebesar 0,056. Jarak genetik antar populasi Halmahera Tengah dengan Sulu-Celebes dan *South China Sea* sebesar 0,035, Halmahera Tengah dengan Bali yakni 0,050, Halmahera Tengah dengan *Indian Coast* yaitu 0,004 dan Halmahera Tengah dengan *Kyushu Island Jepang* adalah 0,054.

Analisis jarak genetik antar populasi data sekunder ditemukan bahwa jarak genetik Sulu-Celebes dan *South China* dengan Bali adalah 0,043, Sulu-Celebes dan *South China* dengan *Indian Coast* dengan nilai 0,031,

Sulu- Celebes dan *South China* dengan *Kyushu Island Japan* sebesar 0,039. Jarak genetik antar populasi Bali dengan *Indian Coast* yaitu 0,046, *Indian Coast* dengan *Kyushu Island Japan* adalah 0,050 dan Bali dengan *Kyushu Island Japan* sebesar 0,055. Letak geografis ternyata tidak memberikan pengaruh terhadap aliran genetik populasi ikan cakalang. Populasi yang tersebar secara geografis memiliki hubungan struktur genetik satu dengan lainnya (Michels *et al.*, 2001). Toha *et al.* (2014) sampel genetik yang acak setiap kelompok populasi menunjukkan terdapat aliran gen dari satu daerah ke yang lainnya. Secara keseluruhan hasil yang diperoleh menunjukkan tidak terdapat diferensiasi genetik antar populasi ikan cakalang, meskipun memiliki jarak lokasi yang berbeda-beda. Sehingga memberikan gambaran bahwa terdapat kedekatan yang kuat antar populasi. Kedekatan genetik dimungkinkan akibat dari sifat migrasi yang tinggi pada ikan cakalang sehingga memberikan peluang bertemu dengan populasi lain dan melakukan perkawinan. Hal ini akan mengakibatkan terciptanya aliran genetik antar populasi. Selain itu bisa diakibatkan karena jumlah populasi yang sangat besar di perairan sehingga terdistribusi secara luas di semua perairan.

Table 3. Genetic distance between population skipjack in North Maluku Sea and secondaries data. Secondaries data: Sulu-Celebes and South China Sea, Bali, Indian coast, Kyushu Island Japan.

No.	Locations	Between populations						
		Mo	Ba	HT	Su	BL	IC	KI
1	Morotai	-	-	-	-	-	-	-
2	Bacan	0.017	-	-	-	-	-	-
3	Halmahera Tengah	0.009	0.018	-	-	-	-	-
4	Sulu-Celebes and South Cina	0.037	0.038	0.035	-	-	-	-
5	Bali	0.052	0.052	0.050	0.043	-	-	-
6	Indian Coast	0.005	0.014	0.004	0.031	0.046	-	-
7	Kyushu Island Japan	0.056	0.056	0.054	0.039	0.055	0.050	-

Information: Mo= Morotai; Ba= Bacan; HT= Halmahera Tengah; Su= Sulu-Celebes and South China Sea; BL= Bali; IC= Indian Coast; KI= Kyushu Island Japan.

Analisis fiksasi indeks (*Fst*) (Table 4) menunjukkan bahwa tidak terdapat diferensiasi genetik antar populasi. Tingginya nilai fiksasi indeks (*Fst*) menunjukkan bahwa terjadi aliran genetik yang tinggi antar populasi. Hasil analisis diperoleh fiksasi indeks (*Fst*) Morotai dengan Bacan yaitu 0,995, Morotai dengan Halmahera Tengah yakni 0,991, Bacan dengan Halmahera Tengah yaitu 0,921. Sedangkan nilai (*Fst*) antar data primer dan data sekunder memperlihatkan hal yang sama dimana terdapat aliran genetik yang besar. Nilai (*Fst*) Morotai dengan Sulu-Celebes dan *South China Sea* yaitu 0,902, Morotai dengan Bali adalah 0,923, Morotai dengan *India Coast* yakni 0,801 dan Morotai dengan *Kyushu Island Japan* sebesar 0,818 (Table 4). Nilai (*Fst*) antar populasi Bacan dengan Sulu-Celebes dan *South China Sea* yaitu 0,908, Bacan dengan Bali adalah 0,934, Bacan dengan *Kyushu Island Japan* yakni 0,812 (Table 4). Aliran genetik berdasarkan nilai (*Fst*) diperoleh populasi Halmahera Tengah dengan *Kyushu Island Japan* adalah 0,901, Halmahera Tengah dengan Bali dengan nilai 0,936, Halmahera Tengah dengan *Indian Coast* yakni 0,810 dan Halmahera Tengah dengan *Kyushu Island Japan* yakni 0,854.

Hasil analisis fiksasi indeks (*Fst*) pada setiap data sekunder diperoleh *Kyushu Island Japan* dengan Bali adalah 0,878,

*Kyushu Island Japan* dengan *Indian Coast* yakni 0,898, Sulu-Celebes dan *South China Sea* dengan Bali yaitu 0,818, Sulu-Celebes dan *South China Sea* dengan *Indian Coast* yakni 0,823, Sulu-Celebes dan *South China Sea* dengan *Kyushu Island Japan* yaitu 0,834, *India Coast* dengan Bali sebesar 0,844 (Table 4). Beberapa penelitian menunjukkan hasil yang sama, Dammannagoda, (2007) diperairan Sri Lanka, Menezes *et al.* (2012) di *Indian Coast*, dan Jackson *et al.* (2014) di beberapa kepulauan Indonesia.

Aliran genetik yang ditemukan dari ikan cakalang menggambarkan bahwa kesuluruhan populasi saling memberikan pengaruh. Distribusi besar di daerah samudera mengindikasikan bahwa ukuran populasi yang besar pada ikan cakalang (Menezes *et al.*, 2012). Hal ini tentunya memberikan efek aliran genetik antar populasi. Fakhri *et al.* (2015) mengatakan pola umum genetik yang ditemukan merupakan ciri populasi ikan cakalang dunia yang sangat bervariasi dan terjadi pencampuran antar populasi pada saat migrasi dalam rentang laut yang luas. Namun beberapa faktor pembatas aliran genetik seperti pola arus, perubahan temperatur dan salinitas atau pembatas alam (*physical barrier*) antar kontinen atau masa tanah samudera (Chow & Ushima, 1995; Menezes *et al.*, 2012).

Table 4. Fixation index analysis (*Fst*) between populations North Maluku Sea and secondaries data.

No.	Locations	Fixation index analysis ( <i>Fst</i> )						
		Primer data			Secondaries data			
		Mo	Ba	HT	Su	BL	IC	KI
1	Morotai	-	-	-	-	-	-	-
2	Bacan	0.995	-	-	-	-	-	-
3	Halmahera Tengah	0.991	0.921	-	-	-	-	-
4	Sulu-Celebes and South Cina	0.902	0.908	0.901	-	-	-	-
5	Bali	0.923	0.934	0.936	0.818	-	-	-
6	Indian Coast	0.801	0.889	0.810	0.823	0.844	-	-
7	Kyushu Island Japan	0.818	0.812	0.854	0.834	0.878	0.898	-

Information: Mo= Morotai; Ba= Bacan; HT= Halmahera Tengah; Su= Sulu-Celebes and South China Sea; BL= Bali; IC= Indian Coast; KI= Kyushu Island Japan.



Perairan dunia dipengaruhi sistem pola arus yang bergerak melintasi perairan antar Samudera. Pergerakan arus menyusuri perairan setiap negara kemudian terdistribusi secara lokal di setiap daerah. Indonesia dipengaruhi Arus Lintas Indonesia (*Indonesian throughflow*) yang masuk melewati Samudera Pasifik hingga menjulur ke Samudera Hindia (Gordon & Fine, 1996). Aliran masa air Arus Lintas Indonesia masuk melalui dua jalur utama yang bersentuhan langsung dengan perairan Maluku Utara yakni Laut Maluku dan Laut Halmahera (*Figure 2*). Masuknya aliran massa air ini diduga membawa air bersuhu hangat, dari Samudera Pasifik di lapisan termoklin (Atmadipoera & Mubaraq, 2016). Hal ini tentunya memberikan keuntungan bagi perairan Maluku Utara, dikarenakan faktor fisika dan kimia membantu ikan pelagis seperti tuna dan cakalang untuk menjadikan perairan ini sebagai habitat untuk hidup menetap ataupun sebagai jalur migrasi. Bahri *et al.* (2017) mengatakan kepulauan bagian timur sangatlah unik karena ada sejumlah faktor fisik dan kimia yang dipengaruhi Samudera Pasifik karena daerah ini memang berbatasan langsung dengan samudera ini.

Keseluruhan hasil analisis struktur genetik memperlihatkan kondisi ikan cakalang dalam keadaan normal (*strong*) di perairan Maluku Utara, walaupun tingkat eksploitasi cukup tinggi, namun kebugaran (*fitness*) ikan secara genetik masih sangat baik. Aliran genetik yang tinggi memperlihatkan bahwa keadaan populasi sangat stabil. Pengetahuan akan populasi genetik sangat penting, untuk melihat seberapa besar populasi dapat bertahan dari perubahan lingkungan yang terjadi. Pengetahuan nilai biomassa merupakan unsur utama dalam penentuan stok, potensi perikanan dan sebagai dasar dalam penentuan upaya pengelolaan perikanan kedepan (Ma'mun *et al.*, 2018). Aktivitas perikanan tangkap merupakan tempat bergantung kehidupan nelayan, sehingga perlu dikelola untuk keberlanjutan dan kelestarian perikanan (Yulianto *et al.*, 2016). Aktivitas tangkap yang dilakukan berlebihan turut memberikan dampak terhadap populasi. Wigati *et al.* (2003) mengatakan kegiatan penangkapan secara terus menerus tanpa regulasi yang kuat memberikan ancaman pada lingkungan, populasi dan variasi genetik.

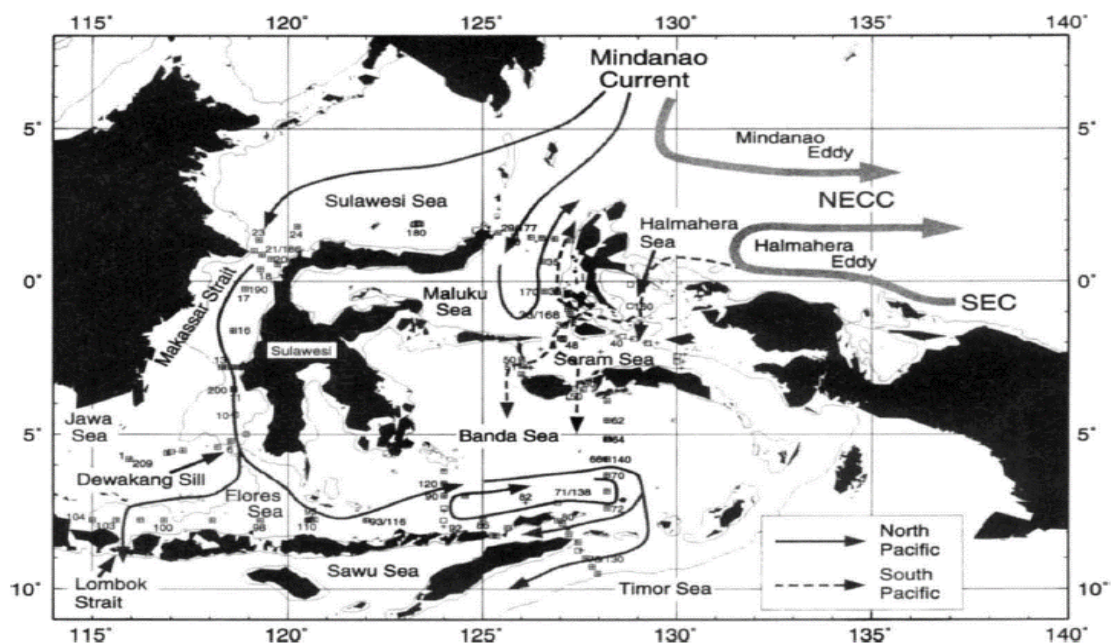


Figure 2. Indonesia through flow (Gordon & Fine, 1996).

### 3.3. Genetik Sebagai Basis Data Konservasi

Informasi genetik populasi ikan cakalang memperlihatkan tidak terdapat diferensiasi antar populasi dan aliran genetik tinggi antar populasi (*Table 3* dan *4*). Hal ini menunjukkan bahwa ikan cakalang merupakan populasi *panmictic*. Populasi *panmictic* adalah suatu kondisi dimana semua individu berpotensi menjadi pasangan, tidak ada hambatan perkawinan baik secara genetik maupun tingkah laku sehingga memungkinkan semua kombinasi (Bahagiawati *et al.*, 2006; 2010). Penelitian yang menemukan bahwa kelompok ikan tuna adalah populasi *panmictic* (Chiang *et al.*, 2008) Akbar *et al.*, 2014; Aris *et al.*, 2017 dan juga pada ikan cakalang (Fakhri *et al.*, 2015).

Status ikan cakalang berdasarkan IUCN belum masuk dalam kategori apendiks spesies (*Table 5*). Aktivitas penangkapan tinggi setiap tahun, perlu diperhatikan dikarenakan dapat mengakibatkan keberlanjutan dan kelestarian sumberdaya tidak seimbang. Intensitas penangkapan yang tinggi dapat menurunkan populasi. Tindakan untuk mengantisipasi hal tersebut diperlukan suatu program konservasi untuk melindungi ikan dari kelangkaan dan dapat dilakukan melalui konservasi genetik. Status ikan tuna yang masuk kategori apendiks I dan II, memberikan gambaran bahwa spesies yang sering dieksploitasi dalam skala besar untuk

komersial, namun berbeda dengan ikan cakalang yang belum masuk dalam kategori apendiks, akan tetapi eksploitasi ikan ini sangat tinggi di Indonesia. KKP (2015) melaporkan bahwa komoditas perikanan penyumbang nilai ekspor perikanan Indonesia adalah tuna, tongkol dan cakalang. Aktivitas tangkap yang berlebih memberikan peluang penurunan populasi ikan. Jamal *et al.* (2014) mengatakan bahwa Tingkat pemanfaatan ikan Cakalang dengan alat tangkap *pole and line* di Kabupaten Luwu telah melampaui nilai *Maximum Sustainable Yield* (MSY). Gigentika *et al.* (2014) menemukan produksi yang menurun dan kekhawatiran terhadap status sumberdaya ikan cakalang di Kabupaten Lombok Timur.

Data genetik yang diperoleh pada penelitian yang dilakukan dapat dijadikan sebagai basis data untuk kelestarian yang berkelanjutan pada sumberdaya hayati. Pemeliharaan genetik diatur dalam Permen No. 60 tahun 2007 berkaitan konservasi sumberdaya ikan. Penjelasan PP No. 60 Tahun 2007 bahwa konservasi sumber daya ikan dilakukan berdasarkan asas manfaat, keadilan, kemitraan, pemerataan, keterpaduan, keterbukaan, efisiensi dan kelestarian yang berkelanjutan. Selain itu dijelaskan proses pembiakan pada ikan dilindungi dan jenis ikan tidak dilindungi dilakukan untuk menjaga kemurnian genetik ikan (PP No. 60 Tahun 2007).

Table 5. Tuna status in Red List International Union for Conservation of Nature (IUCN).

Category	Species Tuna	Status
<i>Extinct</i>	-	
<i>Extinct in the wild</i>	-	
<i>Critically endangered</i>	<i>Thunnus orientalis</i>	Appendix I
<i>Endangered</i>	<i>Thunnus thynnus</i> and <i>Thunnus maccoyii</i>	
<i>Vulnerable</i>	<i>Thunnus obesus</i>	Appendix II
<i>Near threatened</i>	<i>Thunnus albacares</i>	
<i>Least concern</i>	-	
<i>Data deficient</i>	-	
<i>Not evaluated</i>	<i>Katsuwonus pelamis</i>	



UU No. 5 Tahun 1990 menjelaskan tiga sasaran konservasi, yaitu 1). Menjamin terpeliharanya proses ekologis yang menunjang sistem penyangga kehidupan bagi kelangsungan pembangunan dan kesejahteraan manusia (perlindungan sistem penyangga kehidupan); 2). Menjamin terpeliharanya keanekaragaman sumber genetik dan tipe-tipe ekosistemnya sehingga mampu menunjang pembangunan, ilmu pengetahuan, dan teknologi untuk kebutuhan manusia dalam menggunakan sumber daya alam hayati bagi kesejahteraan (pengawetan sumber plasma nutfah); 3). Mengendalikan cara pemanfaatan sumber daya alam hayati sehingga terjamin kelestariannya. Akibat sampingan ilmu pengetahuan dan teknologi yang kurang bijaksana, belum harmonisnya penggunaan dan peruntukan tanah serta belum berhasilnya sasaran konservasi secara optimal, baik di darat maupun di perairan dapat mengakibatkan timbulnya gejala erosi genetik, polusi, dan penurunan potensi sumber daya alam hayati.

Tingginya keragaman genetik pada ikan cakalang di wilayah laut Maluku Utara, memberikan informasi bahwa populasi cakalang memiliki kemampuan beradaptasi lingkungan yang dinamis dan tekanan eksploitasi. Variasi genetik tinggi memberikan gambaran terhadap struktur genetik populasi yang belum terganggu. Data genetik ikan cakalang yang diperoleh perlu mendapatkan perhatian sebagai upaya menjaga, melestarikan dan melanjutkan keberlangsungan sumberdaya ikan di perairan Maluku Utara. Data genetik juga dijadikan sebagai basis data dan pengelolaan berkelanjutan, dikarenakan dapat memberikan penjelasan tentang kondisi ikan saat ini. Adanya berbagai macam gen dari individu-individu di dalam populasi *panmictic* menambah kemampuan populasi dalam merespon perubahan lingkungan.

Strategi dalam upaya mempertahankan kualitas genetik perlu dilakukan dengan cara melestarikan keragaman genetik dengan menerapkan

regulasi tentang pelaksanaan batas ukuran minimum tangkapan pada setiap operasi penangkapan. Ikan yang dapat dimanfaatkan telah memasuki fase dewasa berdasarkan biomorfologi. Kedua adalah regulasi waktu tangkap, sebagai contoh operasi tangkap dilakukan pada musim puncak atau dapat dilakukan selama 6 bulan. Penerapan seperti ini dapat *overfishing*, sehingga stok sumberdaya tetap terjamin kelestariannya. Ketiga adalah penetapan kawasan reservasi (*reservation region*) yang dibentuk berdasarkan kesepakatan masyarakat lokal dan peraturan pemerintah. Pembentukan wilayah reservasi diperlukan dan bersifat penting untuk kegiatan konservasi genetik, dengan bertanggung jawab terhadap kelangsungan hidup populasi ikan.

#### IV. KESIMPULAN

Hasil penelitian karakteristik molekuler diperoleh pada 30 (data primer), 4 (data sekunder) dan 1 (sampel *out group*) sampel ikan cakalang memperoleh 546 (*base pairs*) di *control region* DNA Mitokondria (mtDNA). Secara keseluruhan hasil analisis jarak genetik antar populasi ikan cakalang berdasarkan data primer dan sekunder menunjukkan adanya kedekatan jarak genetik antar populasi dan aliran genetik yang kuat. Data genetik yang diperoleh dapat dijadikan sebagai basis data konservasi untuk keberlanjutan dan pelestarian populasi ikan cakalang di masa akan datang.

#### UCAPAN TERIMA KASIH

Terima kasih kepada Kemenristekdikti yang telah memberikan hibah Penelitian Dosen Pemula (PDP) tahun 2018. Penulis juga menyampaikan terima kasih kepada Pemerintah Daerah di Provinsi Maluku Utara atas bantuannya dalam pelaksanaan penelitian. Tak lupa Peneliti mengucapkan terima kasih secara khusus kepada Bapak Sukarmin Idrus S.Pi., M.Si., Rudi Mansur,

S.Pi. dan Muhajirin Ahmad, S.Pi. atas kontribusinya dalam penelitian.

## DAFTAR PUSTAKA

- Akbar, N., N.P. Zamani, & H.H. Madduppa. 2014. Keragaman genetik ikan tuna sirip kuning (*Thunnus albacares*) dari dua populasi di Laut Maluku, Indonesia. *J. Depik*, 3(1): 65-73.  
<http://doi.org/10.13170/depik.3.1.1304>
- Akbar, N., M. Aris, M. Irfan, I. Tahir, A. Baksir, Surahman, H.H. Madduppa, & R. Kotta. 2018. Filogenetik ikan tuna (*Thunnus* spp.) di Perairan Maluku Utara, Indonesia. *J. Iktiologi Indonesia*, 18(1): 1-11.  
<http://doi.org/10.32491/jii.v18i1.37>
- Akbar, N. & R. Labenua. 2018. Keragaman genetik ikan cakalang (*Katsuwonus pelamis*) di Perairan Laut Maluku Utara. *J. Depik*, 7(2): 164-176.  
<http://doi.org/10.13170/depik.7.2.11156>
- Aris, M., N. Akbar, & R. Labenua. 2017. Genetic and phylogenetic variations of yellowfin tuna (*Thunnus albacares*) as a basis for sustainable fishery resources management in North Moluccas. *International J. Pharma Bio Science*, 8(4): 419-426.  
<http://doi.org/10.22376/ijpbs.2017.8.4.b419-426>
- Atmadipoera, S.A. & G.I. Mubaraq. 2016. Struktur dan variabilitas arlindo di laut Sulawesi. *J. Kelautan Nasional*, 11(3): 159-174.  
<http://doi.org/10.15578/jkn.v11i3.6116>
- Bahagiawati, D.W., Buchari, Nurindah, H.H. Rizjaani, D.W. Utami, B. Sahari, & A. Sari. 2006. Struktur populasi *Trichogrammatoidea armigera*, parasitoid telur *Helicoverpa armigera*, berdasarkan analisis RAPD-PCR. *J. AgroBiogen*, 2(2): 52-58.  
<http://doi.org/10.21082/jbio.v2n2.2006.p5259>
- Bahagiawati, D.W., Utami, & D. Buchari. 2010. Pengelompokan dan struktur populasi parasitoid telur *Trichogrammatoidea armigera* pada telur *Helicoverpa armigera* pada jagung berdasarkan karakter molekuler. *J. Entomologi Indonesia*, 7(1): 54-65.  
<http://doi.org/10.5994/jei.7.1.54>
- Bahri, S., A.S. Atmadipoera, & H.H. Madduppa. 2017. Keragaman genetik penyu lekang *Lepidochelys olivacea* dengan pola arus di teluk Cendrawasih, Papua. *J. Ilmu dan Teknologi Kelautan Tropis*, 9(2): 747-760.  
<http://doi.org/10.29244/jitkt.v9i2.19307>
- Chiang, H.C., C.C. Hsu, H.D. Lin, G.C. Ma, T.Y. Chiang, & H.Y. Yang. 2006. Population structure of bigeye tuna (*Thunnus obesus*) in the South China Sea, Philippine Sea and western Pacific Ocean inferred from mitochondrial DNA. *Fisheries Research*, 79(1): 219-225.  
<http://doi.org/10.1016/j.fishres.2005.11.026>
- Chiang, H.C., C.C. Hsu, G.C.C. Wu, S.K. Chang, & H.Y. Yang. 2008. Population structure of bigeye tuna (*Thunnus Obesus*) in the Indian Ocean inferred from mitochondrial DNA. *Fisheries Research*, 90(1): 305-312.  
<http://doi.org/10.1016/j.fishres.2007.11.006>
- Chow, S. & H. Kishino. 1995. Phylogenetic relationships between tuna species of the genus *Thunnus* (*Scombridae: Teleostei*): inconsistent implications from morphology, nuclear and mitochondrial genomes. *J. of Molecular Evolution*, 41(6): 741-748.  
<http://doi.org/10.1007/BF00350321>

- Chow, S. & H. Ushiyama. 1995. Global population structure of albacore (*Thunnus alalunga*) inferred by RFLP analysis of the mitochondrial ATPase gene. *Marine Biology*, 123(1): 39-45. <http://doi.org/10.1007/BF0035021>
- Dammannagoda, S.T., D.A. Hurwood, & P.B. Mather. 2011. Genetic analysis reveals two stocks of skipjack tuna (*Katsuwonus pelamis*) in the northwestern Indian Ocean. *Canadian J. of Fisheries and Aquatic Sciences*, 68(2): 210-223. <http://doi.org/10.1139/F10-136>
- Ely, B., J. Vinas, J.R.A. Bremer, D. Black, L. Lucas, K. Covello, A.V. Labrie, & E. Thelen. 2005. Consequences of the historical demography on the global population structure of two highly migratory cosmopolitan marine fishes: the yellowfin tuna (*Thunnus albacares*) and the skipjack tuna (*Katsuwonus pelamis*). *BMC Evolutionary Biology*, 5(19): 1-9. <http://doi.org/10.1186/1471-2148-5-19>
- Excoffier, L. & H.E.L. Lischer. 2010. Arlequin suite ver 3.5; a new series of program to perform population genetic analysis under linux and windows. *Molecular Ecology Resources*, 10(3): 564-56. <http://doi.org/10.1111/j.1755-0988.2010.02847.x>
- Fakhri, F., I. Narayani, & I.G.N.K. Mahardika. 2015. Keragaman genetik ikan cakalang (*Katsuwonus Pelamis*) dari Kabupaten Jembrana dan Karangasem, Bali. *J. Biologi*, 19(1): 11-14. <http://ojs.unud.ac.id/index.php/BIO/article/view/16493>
- Gigentika, S., S.H. Wisudo, & Mustaruddin. 2014. Strategi pengembangan perikanan cakalang di Kabupaten Lombok Timur Provinsi Nusa Tenggara Barat. *Marine Fisheries*, 5(1): 27-40. <http://doi.org/10.29244/jmf.5.1.27-40>
- Gordon, A.L. & R.A. Fine. 1996. Pathways of water between the Pacific and Indian oceans in the Indonesian seas. *Nature*, 379(6561): 146-149. <http://doi.org/10.1038/379146a0>
- Graves, J.E., S.D. Ferris, & A.E. Dizon. 1984. Close genetic similarity of Atlantic and Pacific skipjack tuna (*Katsuwonus pelamis*) demonstrated with restriction endonuclease analysis of mitochondrial DNA. *Marine Biology*, 79(3): 315-319. <http://doi.org/10.1007/BF00393264>
- Jackson, A.M., M.V. Ambariyanto, Erdmann, A.H.A. Toha, L.A. Stevens, & P.H. Barber. 2014. Phylogeography of commercial tuna and mackerel in the Indonesian Archipelago. *Bulletin Marine Science*, 90(1): 471-492. <http://doi.org/10.5343/bms.2012.1097>
- Jamal, M., Hasrun, & Ernarningsih. 2014. Tingkat pemanfaatan dan estimasi potensi ikan cakalang (*Katsuwonus pelamis*) di kawasan teluk Bone. *Torani*, 24(2): 20-28. <http://doi.org/10.35911/torani.v24i2.225>
- Johnson, M.G., Y.D. Mgaya, & Y.W. Shaghude. 2015. Mitochondrial DNA analysis reveals a single stocks of frigate tuna *Auxis thazard* (Lacepède, 1800) in the northern coastal waters of Tanzania. Indian Ocean Tuna Commission-2015-WPNT05-16. 12 p.
- Lee, W.J., J. Conroy, W.H. Howell, & T.D. Kocher. 1995. Structure and evolution of teleost mitochondrial control regions. *Molecular Evolution*, 41(1): 54-66. <http://doi.org/10.1007/BF00174041>
- Ma'mun, A., A. Priatna, Suwarso, & M. Natsir. 2018. Potensi dan distribusi spasial ikan demersal di Laut Jawa (WPPNRI-712) dengan menggunakan teknologi hidroakustik. *J. Ilmu dan*

- Teknologi Kelautan Tropis*, 10(2): 489-500.  
<http://doi.org/1029244/jitkt.v10i2.21549>
- Menezes, M.R., G. Kumar, & S.P. Kunal. 2012. Population genetic structure of skipjack tuna *Katsuwonus pelamis* from the Indian coast using sequence analysis of the mitochondrial DNA D-loop region. *J. Fish Biology*, 80(6): 2198-2212.  
<http://doi.org/10.1111/j.1095-8649.2012.03270.x>
- Michels, E., K. Cottenie, L. Neys, K. De Gelas, P. Coppin, & L. De Meester. 2001. Geographical and genetic distances among zooplankton populations in a set of interconnected ponds: a plea for using GIS modelling of the effective geographical distance. *Molecular Ecology*, 10(8): 1929-1938. <http://doi.org/10.1046/j.1365-294X.2001.01340.x>
- Permana, G.N., J.H. Hutapea, Haryanti, & S.B.M. Sembiring. 2007. Variasi genetik ikan tuna sirip kuning (*Thunnus albaceras*) dengan analisis elektroforesis allozyme dan mtDNA. *J. Riset Akuakultur*, 2(1): 41-50.  
<http://doi.org/10.15578/jra.2.1.2007.41-50>
- Sanger, F., S. Nicklen, & A.R. Coulson. 1977. DNA sequencing with chain-terminating inhibitors. *National Academical Science, United States of America*, 74(12): 5463-5467.  
<http://doi.org/10.1073/pnas.74.12.5463>
- Shizuka, D. & B.E. Lyon. 2008. Improving the reliability of molecular sexing using a W-specific marker. *Molecular Ecology Resources*, 8(6): 1249-1253.  
<http://doi.org/10.1111/j.1755-0998.2008.02342.x>
- Soewardi, K. & Suwarso. 2006. Variasi geografik dalam struktur genetik populasi ikan kakap merah, *Lutjanus malabaricus* (Lutjanidae) dan interaksi lingkungan di laut Jawa. *J. Ilmu-Ilmu Perairan dan Perikanan Indonesia*, 13(1): 69-75.
- Suman A., H.E. Irianto, K. Amri, & B. Nugraha. 2013. Population structure and reproduction of bigeye tuna (*Thunnus Obesus*) in Indian Ocean at western part of Sumatera and southern part of Java and Nusa Tenggara. *Indian Ocean Tuna Commission*, 8 oktober 2013. 1-14 pp.
- Tamura, K., D. Peterson, N. Peterson, G. Stecher, M. Nei, & S. Kumar. 2011. Mega 5: molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance and maximum parsimony method. *Molecular Biology Evolution*, 28(10): 2731-2739.  
<http://doi.org/10.1093/molbev/msr121>
- Toha, A.H.A., R. Binur, Suhaemi, Lutfi, L. Hakim, N. Widodo, & S.B. Sumitro. 2014. Genetic aspects of the commercially used sea urchin *Tripneustes gratilla*. A review. *J. of Biological Researches*, 20(2): 12-17.  
<http://doi.org/10.23869/bphjr.20.1.20143>
- Toatubun, N., J. Wenno, & I.L. Labaro. 2015. Struktur populasi ikan cakalang hasil tangkapan pukat cincin yang didaratkan di pelabuhan perikanan pantai Tumumpa Kota Manado. *J. Ilmu dan Teknologi Perikanan Tangkap*, 2(2): 73-77.  
<http://doi.org/10.35800/jitpt.2.2.2015.9234>
- Walsh, P.S., D.A. Metzger, & R. Higuchi. 1991. Chelex-100 as a medium for simple extraction of DNA for PCR based typing from forensic material. *Biotechniques*, 10(4): 506-513.  
<http://doi.org/10.2144/000114018>
- Wigati, E., Sutarno, & Haryanti. 2003. Variasi genetik ikan anggoli (*Pristipomoides multidens*)

- berdasarkan pola pita allozim. *Biodiversitas*, 4(2): 73-79.  
<http://doi.org/10.13057/biodiv/d040201>.
- Williams, J.G.K., A.R. Kubelik, K.J. Livak, J.A. Rafalski, & S.V. Tingey. 1990. DNA polymorphism amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. *Nucleic Acids Research*, 18(22): 6531-6535.  
<http://doi.org/10.1093/nar/18.22.6531>
- Xiao, M., P.M. Gordon, A. Phong, C. Ha, T.F. Chan, D. Cai, P.R. Selvin, & Y. Kwok. 2007. Determination of haplotype for single DNA molecules: a method for single molecules barcoding. *Human Mutation*, 28(9): 913-921.  
<http://doi.org/10.1002/humu.20528>

*Received : 21 January 2020*

*Reviewed : 7 May 2020*

*Accepted : 24 July 2020*



